

**Насколько близки адаптивные механизмы у криптических видов: анализ на примере моллюсков рода *Littorina*, подрода *Neritrema***

**Научный руководитель – Мальцева Арина Леонидовна**

**Павлова Полина Антоновна**

*Студент (бакалавр)*

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,  
Санкт-Петербург, Россия

*E-mail: pollypavlova98@gmail.com*

Моллюски рода *Littorina* (Mollusca, Caenogastropoda, Littorinidae) широко распространены на литорали морей Северной Атлантики. В подрode *Neritrema* выделяют группы криптических видов “*saxatilis*” (*L. saxatilis*, *L. arcana*, *L. compressa*) и “*obtusata*” (*L. obtusata*, *L. fabalis*). Каждый из видов занимает определенную микронишу на литорали. Филогенетическая близость перечисленных видов вкупе с имеющимися у них экологическими предпочтениями в пределах литорали позволяет предположить, что эти виды дивергировали по механизму симпатрического видообразования. Данная группа видов является информативной моделью для изучения механизмов адаптации к гетерогенным условиям среды обитания и ее эволюционных последствий.

Для понимания микроэволюционных процессов, протекающих в ходе симпатрического видообразования, немаловажно раскрытие физиологических и биохимических процессов, лежащих в основе адаптации организмов к локальным условиям среды. Для реконструкции этих процессов могут быть использованы протеомный и метаболомный подходы. Протеомика позволяет выявлять изменения в профиле экспрессируемых белков, наличие аминокислотных замен и пост-трансляционных модификаций в белках. Метаболомика оценивает состав и количественные соотношения малых молекул - метаболитов. Глубокие физиологические изменения могут происходить в организме без изменения уровня экспрессии белков за счет сложной системы прямых и обратных регуляторных связей в метаболических процессах. Вследствие этого данные метаболомики являются комплементарными к протеомным при описании физиологических особенностей организма.

Наше исследование направлено на анализ биохимических различий на протеомном и метаболомном уровнях близких видов рода *Littorina*, населяющих разные горизонты литорали, для оценки сходства адаптивных изменений у разных видов, приспособленных к сходным условиям.

Образцы для анализа собраны из природных популяций летом 2019 года из двух географических точек: Сальстраумен (Норвежское море) и Варангер-фьорд (Баренцево море). В каждом случае брали выборки моллюсков с верхнего и нижнего горизонтов литорали. Анализ метаболомов проводили методом ГХ-МС с последующей статистической обработкой в среде R.

Первичные данные метаболомного анализа показывают следующие тенденции: (1) метаболомы сестринских видов *L. obtusata* и *L. fabalis* существенно различаются, что хорошо согласуется с протеомными исследованиями; (2) составы метаболитов *L. saxatilis* и *L. arcana* имеют более сходный состав друг с другом, чем с *L. compressa*; (3) у особей *L. saxatilis* имеются различия в составе метаболитов в зависимости от населяемого уровня литорали. Эти различия затрагивают обилие и состав свободных аминокислот, моносахаридов, входящих в состав мембранных липидов жирных кислот, а также стероидов и их производных. Эти различия можно связать с разницей в температурном воздействии, разной степени подвижности и разной подверженности осмотическому стрессу моллюсков, обитающих в разных горизонтах литорали.